

## Resistència bacteriana: un problema mòbil

02/2008 - Medicina i Salut.

En els últims anys, la resistència dels bacteris als antibiòtics s'està convertint en un greu problema clínic. Per complicar més les coses, els gens que fan als bacteris resistents als antimicrobians solen estar situats en elements genètics mòbils, la qual cosa incrementa la seva difusió. Aquest article parla de la investigació duta a terme sobre dos d'aquests gens.



(Foto: [microbekeeper@flickr.com](https://www.flickr.com/photos/microbekeeper/))

La resistència als antimicrobians per part dels bacteris és un tema que cada dia pren més rellevància clínica donada la limitació de les opcions terapèutiques per al tractament d'infeccions produïdes per aquests bacteris, sovint multirresistents. Els principals mecanismes de resistència als antimicrobians, estan codificats en gens que poden estar situats en diferents elements genètics mòbils, els quals incrementen les possibilitats de difusió d'aquests mecanismes de resistència dins el món bacterià.

Un dels principals grups d'antimicrobians usats tant a nivell hospitalari com comunitari per al tractament dels enterobacteris és el dels betalactàmics, una família d'antimicrobians que compren diferents grups (penicil·lines, cefalosporines, cefamicines, monobactams i carbapenems), dels quals cal destacar les cefalosporines pel seu espectre d'activitat i pel seu freqüent ús, especialment a l'àmbit hospitalari. Les cefalosporines varen permetre el tractament d'infeccions produïdes per bacteris que havien esdevingut resistents a les penicil·lines (com l'ampicil·lina) degut a la producció d'enzims inactivants de l'antibiòtic, les betalactamases. En els darrers 25 anys però, el problema s'ha agreujat per l'aparició de diferents tipus de betalactamases capaces de conferir resistència a la pràctica totalitat dels betalactàmics. Un d'aquests tipus és el que formen les betalactamases d'espectre ampliat (BLEA), enzims que no només inactiven les penicil·lines sinó també les cefalosporines, quedant només excloses les cefamicines i els carbapenems.

En un estudi dut a terme a l'Hospital de la Santa Creu i Sant Pau durant el 2003, on es determinà la prevalença de bacteris portadors de BLEA en diferents ecosistemes (humà, animal, aigües residuals humanes i aliments)<sup>1</sup>, s'observà que la BLEA més freqüent era la CTX-M-14, i que sorprenentment, aquesta proteïna venia codificada en dos gens, bla (CTX-M-14a) i bla(CTX-M-14b.2) Aquest darrer gen, presentava un nucleòtid de diferència respecte el gen bla (CTX-M-9), que codifica l'enzim CTX-M-9, la segona BLEA més freqüent en el nostre entorn. Tanmateix la curiositat rau en l'origen del gen bla (CTX-M-14b), més pròxim al del gen bla (CTX-M-9) que no pas al del bla (CTX-M-14a) tal com es demostrà quan es varen estudiar els

entorns genètics d'ambdós gens. A l'entorn genètic del gen bla (CTX-M-14a) es trobaren les seqüències d'inserció ISEcp1 i IS903, mentre que a l'entorn genètic del gen bla (CTX-M-14b) es trobà l'estructura descrita com a integró In60, integró que conté el gen bla (CTX-M-9). Per tant, la proteïna CTX-M-14 és el resultat de la convergència de dos gens, bla(CTX-M-14a) i bla(CTX-M-14b), provenint aquest darrer del gen bla (CTX-M-9).

Laura Gómez Martínez

Universitat Autònoma de Barcelona Servei de Microbiologia. Hospital de la Santa Creu i Sant Pau

"Evidence for convergent evolution of CTX-M-14 ESBL in *Escherichia coli* and its prevalence". Navarro F, Mesa RJ, Miró E, Gómez L, Mirelis B, Coll P. 2007. FEMS Microbiol Lett. 273:120-123.